

9	18	27	36	45	54
ATG GCG TCT TTC TCT GCT GAG ACC AAT TCA ACT GAC CTA CTC TCA CAG CCA TGG					
Met Ala Ser Phe Ser Ala Glu Thr Asn Ser Thr Asp Leu Leu Ser Gln Pro Trp					
63	72	81	90	99	108
AAT GAG CCC CCA GTA ATT CTC TCC ATG GTC ATT CTC AGC CTT ACT TTT TTA CTG					
Asn Glu Pro Pro Val Ile Leu Ser Met Val Ile Leu Ser Leu Thr Phe Leu Leu					
117	126	135	144	153	162
GGA TTG CCA GGC AAT GGG CTG GTG CTG TGG GTG GCT GGC CTG AAG ATG CAG CGG					
Gly Leu Pro Gly Asn Gly Leu Val Leu Trp Val Ala Gly Leu Lys Met Gln Arg					
171	180	189	198	207	216
ACA GTG AAC ACA ATT TGG TTC CTC CAC CTC ACC TTG GCG GAC CTC CTC TGC TGC					
Thr Val Asn Thr Ile Trp Phe Leu His Leu Thr Leu Ala Asp Leu Leu Cys Cys					
225	234	243	252	261	270
CTC TCC TTG GCC TTC TCG CTG GCT CAC TTG GCT CTC CAG GGA CAG TGG CCC TAC					
Leu Ser Leu Ala Phe Ser Leu Ala His Leu Ala Leu Gln Gly Gln Trp Pro Tyr					
279	288	297	306	315	324
GGC AGG TTC CTA TGC AAG CTC ATC CCC TCC ATC ATT GTC CTC AAC ATG TTT GGC					
Gly Arg Phe Leu Cys Lys Leu Ile Pro Ser Ile Ile Val Leu Asn Met Phe Gly					
333	342	351	360	369	378
AGT GTC TTC CTG CTT ACT GCC ATT AGC CTG GAT CGC TGT CTT GTG GTA TTC AAG					
Ser Val Phe Leu Leu Thr Ala Ile Ser Leu Asp Arg Cys Leu Val Val Phe Lys					
387	396	405	414	423	432
CCA ATC TGG TGT CAG AAT CAT CGC AAT GTA GGG ATG GCC TGC TCT ATC TGT GGA					
Pro Ile Trp Cys Gln Asn His Arg Asn Val Gly Met Ala Cys Ser Ile Cys Gly					
441	450	459	468	477	486
TGT ATC TGG GTG GTG GCT TTT GTG TTG TGC ATT CCT GTG TTC GTG TAC CGG GAA					
Cys Ile Trp Val Val Ala Phe Val Leu Cys Ile Pro Val Phe Val Tyr Arg Glu					
495	504	513	522	531	540
ATC TTC ACT ACA GAC AAC CAT AAT AGA TGT GGC TAC AAA TTT GGT CTC TCC AGC					
Ile Phe Thr Thr Asp Asn His Asn Arg Cys Gly Tyr Lys Phe Gly Leu Ser Ser					
549	558	567	576	585	594
TCA TTA GAT TAT CCA GAC TTT TAT GGG GAT CCA CTA GAA AAC AGG TCT CTT GAA					
Ser Leu Asp Tyr Pro Asp Phe Tyr Gly Asp Pro Leu Glu Asn Arg Ser Leu Glu					
603	612	621	630	639	648
AAC ATT GTT CAG CCG CCT GGA GAA ATG AAT GAT AGG TTA GAT CCT TCC TCT TTC					
Asn Ile Val Gln Pro Pro Gly Glu Met Asn Asp Arg Leu Asp Pro Ser Ser Phe					

FIGURE 1A

657	666	675	684	693	702
CAA ACA AAT GAT CAT CCT TGG ACA GTC CCC ACT GTC TTC CAA CCT CAA ACA TTT					
Gln Thr Asn Asp His Pro Trp Thr Val Pro Thr Val Phe Gln Pro Gln Thr Phe					
711	720	729	738	747	756
CAA AGA CCT TCT GCA GAT TCA CTC CCT AGG GGT TCT GCT AGG TTA ACA AGT CAA					
Gln Arg Pro Ser Ala Asp Ser Leu Pro Arg Gly Ser Ala Arg Leu Thr Ser Gln					
765	774	783	792	801	810
AAT CTG TAT TCT AAT GTA TTT AAA CCT GCT GAT GTG GTC TCA CCT AAA ATC CCC					
Asn Leu Tyr Ser Asn Val Phe Lys Pro Ala Asp Val Val Ser Pro Lys Ile Pro					
819	828	837	846	855	864
AGT GGG TTT CCT ATT GAA GAT CAC GAA ACC AGC CCA CTG GAT AAC TCT GAT GCT					
Ser Gly Phe Pro Ile Glu Asp His Glu Thr Ser Pro Leu Asp Asn Ser Asp Ala					
873	882	891	900	909	918
TTT CTC TCT ACT CAT TTA AAG CTG TTC CCT AGC GCT TCT AGC AAT TCC TTC TAC					
Phe Leu Ser Thr His Leu Lys Leu Phe Pro Ser Ala Ser Ser Asn Ser Phe Tyr					
927	936	945	954	963	972
GAG TCT GAG CTA CCA CAA GGT TTC CAG GAT TAT TAC AAT TTA GGC CAA TTC ACA					
Glu Ser Glu Leu Pro Gln Gly Phe Gln Asp Tyr Tyr Asn Leu Gly Gln Phe Thr					
981	990	999	1008	1017	1026
GAT GAC GAT CAA GTG CCA ACA CCC CTC GTG GCA ATA ACG ATC ACT AGG CTA GTG					
Asp Asp Asp Gln Val Pro Thr Pro Leu Val Ala Ile Thr Ile Thr Arg Leu Val					
1035	1044	1053	1062	1071	1080
GTG GGT TTC CTG CTG CCC TCT GTT ATC ATG ATA GCC TGT TAC AGC TTC ATT GTC					
Val Gly Phe Leu Leu Pro Ser Val Ile Met Ile Ala Cys Tyr Ser Phe Ile Val					
1089	1098	1107	1116	1125	1134
TTC CGA ATG CAA AGG GGC CGC TTC GCC AAG TCT CAG AGC AAA ACC TTT CGA GTG					
Phe Arg Met Gln Arg Gly Arg Phe Ala Lys Ser Gln Ser Lys Thr Phe Arg Val					
1143	1152	1161	1170	1179	1188
GCC GTG GTG GTG GTG GCT GTC TTT CTT GTC TGC TGG ACT CCA TAC CAC ATT TGG					
Ala Val Val Val Ala Val Phe Leu Val Cys Trp Thr Pro Tyr His Ile Trp					
1197	1206	1215	1224	1233	1242
GGA GTC CTG TCA TTG CTT ACT GAC CCA GAA ACT CCC TTG GGG AAA ACT CTG ATG					
Gly Val Leu Ser Leu Leu Thr Asp Pro Glu Thr Pro Leu Gly Lys Thr Leu Met					
1251	1260	1269	1278	1287	1296
TCC TGG GAT CAT GTA TGC ATT GCT CTA GCA TCT GCC AAT AGT TGC TTT AAT CCC					
Ser Trp Asp His Val Cys Ile Ala Leu Ala Ser Ala Asn Ser Cys Phe Asn Pro					

FIGURE 1B

1305 1314 1323 1332 1341 1350
TTC CTT TAT GCC CTC TTG GGG AAA GAT TTT AGG AAG AAA GCA AGG CAG TCC ATT
Phe Leu Tyr Ala Leu Leu Gly Lys Asp Phe Arg Lys Lys Ala Arg Gln Ser Ile

1359 1368 1377 1386 1395 1404
CAG GGA ATT CTG GAG GCA GCC TTC AGT GAG GAG CTC ACA CGT TCC ACC CAC TGT
Gln Gly Ile Leu Glu Ala Ala Phe Ser Glu Glu Leu Thr Arg Ser Thr His Cys

1413 1422 1431 1440
CCC TCA AAC AAT GTC ATT TCA GAA AGA AAT AGT ACA ACT GTG 3'
Pro Ser Asn Asn Val Ile Ser Glu Arg Asn Ser Thr Thr Val

FIGURE 1C

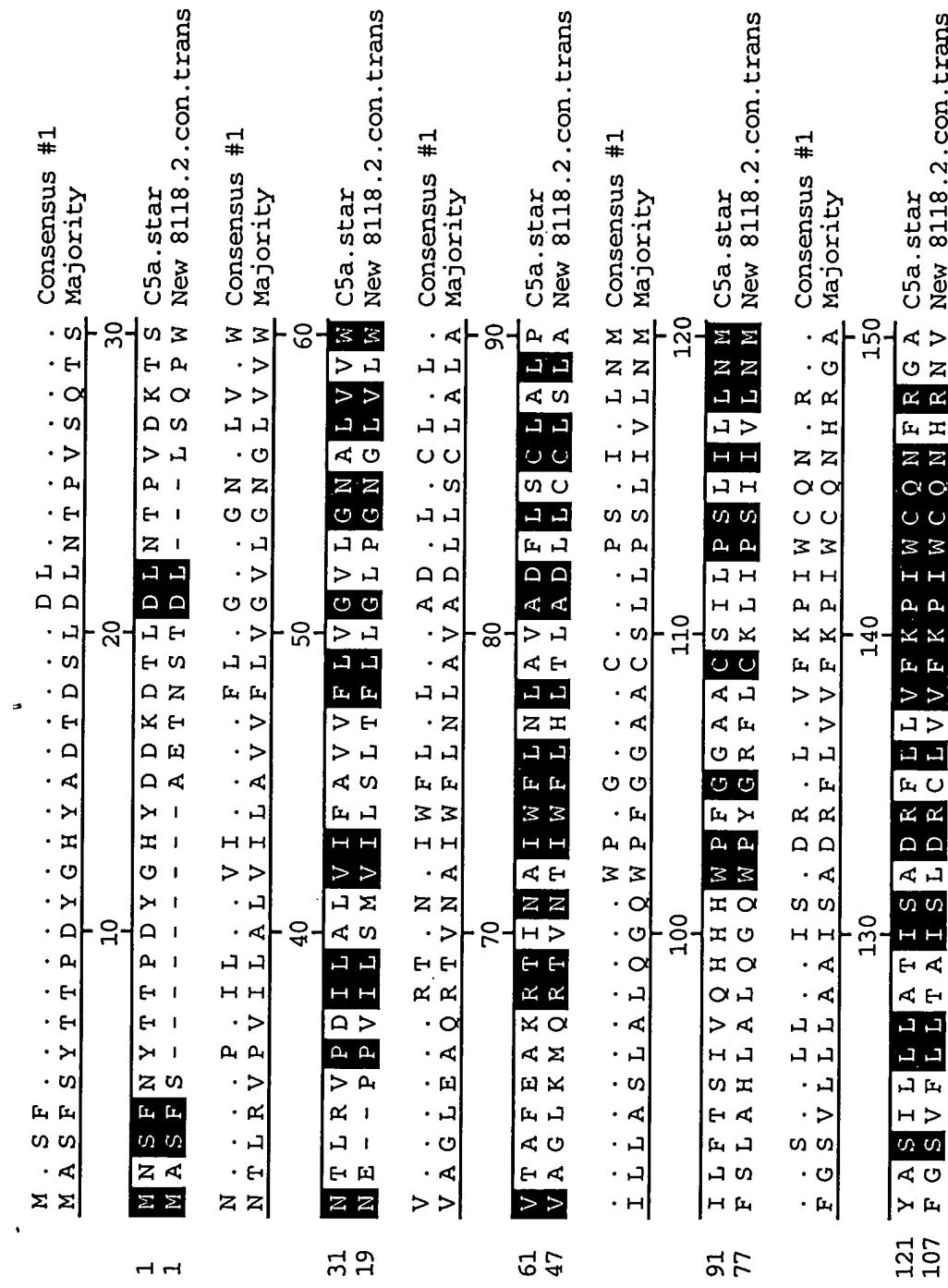


FIGURE 2A

G · A · · C · · W · · A · · "L · I P · F · Y R · · ·	Consensus #1
<u>G L A W I A C C G V A W G V A L V L T I P V F V Y R V V F T T</u>	Majority
151 G L A W I A C A V A W G L A L L T I P S F F L Y R V V - -	180
137 G M A C S I C G C I W V V A F V L C I P V F V Y R E I F T T	
· · · · R · · Y · · P · · · P · · · P · · · P · · · P · · ·	
<u>D N H N R E G Y K F G L S S S L D F P D F Y G D P L E N R S</u>	Consensus #1
178 - - - R E E Y - - - - - F P - - - - - - - - - - -	170
167 D N H N R C G Y K F G L S S S L D Y P D F Y G D P L E N R S	210
· · · · R · · Y · · P · · · P · · · P · · · P · · · P · · ·	
<u>L E N I V Q P P G E M N D R L D P S S F Q T N D H P W T V P</u>	Consensus #1
184 -	220
197 L E N I V Q P P G E M N D R L D P S S F Q T N D H P W T V P	230
· · · · R · · Y · · P · · · P · · · P · · · P · · · P · · ·	240
<u>T V F Q P Q T F Q R P S A D S L P R G S A R L T S Q N L Y S</u>	Majority
184 -	250
227 T V F Q P Q T F Q R P S A D S L P R G S A R L T S Q N L Y S	260
· · · · R · · Y · · P · · · P · · · P · · · P · · · P · · ·	270
<u>N V F K P A D V V S P K V L S G V P I E D H E T S P L D N S</u>	Consensus #1
184 -	280
257 N V F K P A D V V S P K I P S G F P I E D H E T S P L D N S	290
· · · · R · · Y · · P · · · P · · · P · · · P · · · P · · ·	300
	C5a.star
	New 8118.2.con.trans

FIGURE 2B

	D A F L S T H I K L F P S A S S N S F Y E S E L P Q G F Q D	Consensus #1
191	- -	C5a.star
287	D A F L S T H I K L F P S A S S N S F Y E S E L P Q G F Q D	New 8118.2.con.trans
	Y Y N L G D F S D D Q V E T P L V A V A I V R L V V G F L	Majority
191	- - - - D Y S H D K R R E R - - A V A I V R L V L G F L	C5a.star
317	Y Y N L G Q F T D D D Q V P T P L V A I T I T R L V V G F L	New 8118.2.con.trans
	L P L V I L I A C Y S E P I V I L R T Q R G R R A T S S S K T L	Majority
213	P L L T L T I C Y T F I L L R T - W S R R A T R S T K T L	C5a.star
347	W P L S V I M I A C Y S F I V F R M Q R G R F A K S Q S K T F	New 8118.2.con.trans
	V V V V A V V A S F F I F W L P Y Q V T G I M M S F L E P S	C5a.star
	K V A V V A V F L V C W T P Y H I W G V L S L L D P S	New 8118.2.con.trans
400	410	420

FIGURE 2C

462355

430 P · · · L · · D · · C · · A · · N · C · N P · · Y · Consensus #1
 S P L G I L L N S L D S V C V A L A S A N S C I N P I L Y A Majority
 430
 440
 450

272 S P T F L L L N K L D S L C V S F A Y I N C C I N P I I Y V C5a.star
 407 T P L G K T L M S W D H V C I A L A S A N S C F N P F L Y A New 8118.2.con.trans

460 G · · F · · R · S · · L · · A · · E E · · R · Consensus #1
 V A G Q G F Q G K A R Q S L Q G L L E A A L S E E S V R S Majority
 470
 480

302 V A G Q G F Q G R L R K S L P S L L R N V L T E S V V R E C5a.star
 437 L L G K D F R K K A R Q S I Q G I L E A A F S S E - L T R S New 8118.2.con.trans

490 S K S F S N S V V S T M A Q N S T A V
 490
 490

332 S K S F T R S T V D T M A Q K T Q A V C5a.star
 466 T H C P S N N V I S E - - R N S T T V New 8118.2.con.trans

FIGURE 2D